2B-3

臓器統計モデルの医用画像への位置合わせのGPUを用いた高速化

堤貴浩† 本谷秀堅‡

†‡ 名古屋工業大学情報工学科

概 要

マルコフ連鎖モンテカルロ法 (markov chain monte carlo:MCMC) はグラフィカルモデル上で周辺事後確率分布を推定する際に広く利用されている [1]．本稿では，医用画像に対する臓器統計モデルの位置合わせ [2] を題材に，MCMC による推論演算を GPU により高速化する手法について報告する．臓器統計モデルは臓器表面の形状を数百の点群により表現しており，各点の画像内における位置分布はそれぞれ約 4 万個のパーティクルの集合により表現される．各点の周辺事後確率分布を表現するパーティクルの分布を MCMC により計算する．この計算を GPU によりできるだけ効率的におこなうには，GPU における計算ができるだけ並列でおこなわれるよう工夫する必要がある．本稿では，確率分布が多数のパーティクルにより表現されていることに着目し，並列度を向上させる手法を提案する．実験により提案法による高速化の程度を評価したので報告する．

1 医用画像と臓器点群統計モデル

臓器モデルとして Point Distributation Model（PDM）を使用した．PDM は点群が臓器表面を表現する．本稿で扱う画像は 3 次元 X 線 CT 画像であり，対象臓器は肝臓である．肝臓をあらわす点を P_j であらわし，それぞれの 3 次元座標を x_j であらわす．また，点 P_j を中心とする一辺 L の立方体内部の画素値をならべた L^3 次元のベクトルを I_j であらわす．

- P_j の事前確率分布：$p(x_j)$
- P_j 周辺の局所画像 I_j の尤度確率分布：$p(I_j|x_j)$
- P_j と P_k の相対位置関係の確率分布；$p(x_j|x_k)$

臓器表面の統計として上記の 3 種類を表現する．3 つの確率分布を用いて，各点の位置 x_j と各点の近傍アピアランス I_j の同時確率分布を次式のように表現することができる．

$$p(x_j, I_j) = \frac{1}{Z}\prod_j p(x_j)p(I_j|x_j)\prod_{(j,k)\in\epsilon} p(x_j|x_k) \quad (1)$$

ただし，Z は正規化係数を表す．式 1 は 3 次元座標 x_j からなる多変数確率分布であり，グラフィカルモデルにより表現できる．ϵ はこのグラフィカルモデル中の辺の集合であり，x_j と x_k が条件付独立でなければ $(j,k)\in\epsilon$ となる．画像が与えられたとき，式 1 に基づいて周辺事後確率分布 $P(x_j)$ を各点につき算出することにより，モデルを画像に対して位置合わせし，対象臓器領域を同定する．次節において，$P(x_j)$ を MCMC により算出する手続きについて記す．

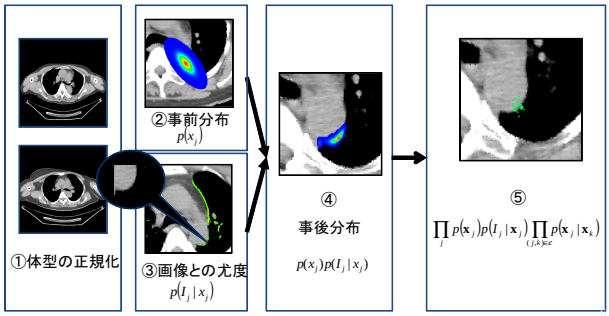

図 1: 位置合わせのアルゴリズム

2 医用画像の位置合わせ

画像が与えられたときの位置合わせの手続きを下に示す（図 1 参照）．

1. 与えられた画像を体型により正規化する．
2. 事前分布 $P(x_j)$ を求める (図 1-②)．
3. $p(I_j|x_j)$ にもとづき、各点の尤度分布を求める（図 1-③）．
4. 上記より各点の事後分布 $P(x_j)P(I_j|x_j)$ を求める（図 1-④）．
5. $p(x_j|x_k)$ も考慮した式 1 に基づき MCMC により周辺事後確率分布を算出する．

上記分布のうち尤度分布 $P(I_j|x_j)$ は画像中で臓器表面に沿った分布であり，ガウス関数などを用いたパラメトリックな表現が困難である．このため，パーティクルの集合によりノンパラメトリックに表現する．パーティクルの個数は事後分布の定義域の広さに応じて数百個から数十万個程度の範囲で変化させている．次節において，MCMC の概略を記す．

3 MCMC

MCMC の一手法であるギブスサンプリングについて述べる．サンプリングしたい確率分布 $p(\mathbf{x}) = p(x_1, x_2, \ldots, x_M)$ を考える．確率変数 x_j のサンプル $z_j^{(1)}$ であるとき，新たなサンプル $z_j^{(2)}$ を以下の式に基

Yoshihiro TSUTSUMI†and Hidekata HONTANI‡
†‡Dept. of Computer Science, Nagoya Institute of Technology
†tutumi@cv.nitech.ac.jp ‡hontani@nitech.ac.jp

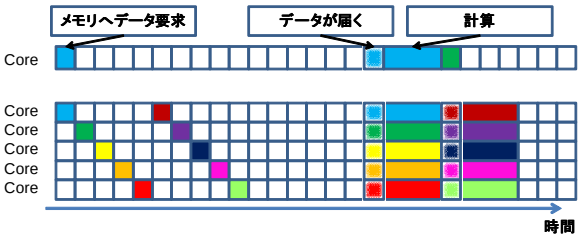

図 2: データ要求から計算までのタイムチャート

づいてサンプリングする．

$$p(z_j|\mathbf{z}_{\setminus j}) = \prod_j p(x_j)p(I_j|x_j) \prod_{(j,k)\in\epsilon} p(x_j|z_k) \qquad (2)$$

ただし，$\mathbf{z}_{\setminus j} = \{z_1, z_2, \ldots, z_{j-1}, z_{j+1}, \ldots, z_M\}$ である．以上の計算をすべての j に対して行い，繰り返すことで十分な数のサンプルを得る．得られたサンプルから周辺事後確率を推定する．

4 GPU を用いた高速化

GPU は CPU に比べ，計算をする Core の数が多く，メモリアクセスが高速であることが特徴である．ただし，Core が計算するためのデータをメモリに対して要求するとき，その要求から実際にデータがメモリから転送されてくるまでには時間がかかることには注意を要する．NVIDIA 社の GPU では Core を 32 個まとめて Streming Multiprocessor(SM) として管理している．

スレッドとは，プログラムの最小の実行単位である．図 2 は，単一 Core が単一スレッドを処理するときの簡略化したタイムチャート（上）と複数の Core が複数のスレッドを処理するときの模式図（下）である．色の違いがスレッドの違いをあらわす．上に述べたとおり，データを要求してから獲得されるまでに時間がかかる，この空き時間に，図 2 に示すように，ほかのスレッド処理用のデータ要求をおこなうことにより，計算資源を有効に活用できる．本研究では，スレッドをパーティクルひとつの座標計算ごとに細分化することにより，計算資源の有効活用をおこなう．このことにより，数千万のスレッドを同時に実行可能となる．

4.1 メモリ

NVIDIA 社の GPU では，Register，Shared Memory，Global Memory，Texture Memory，Constant Memmory が使用できる．本研究では，Register，Shared Memory，Global Memory を用いた．

Shared Memory は，最大 48KB のメモリである．同じ SM であればどの Core からでもアクセスすることができ，バンクコンフリクトを回避することで Register のように高速でアクセスすることができる．各パーティクルの重みを計算する際，隣接点の重複する情報を Shared Memory に格納することで，低速な Global Memroy へのアクセスを少なくすることができる．

5 実験結果

MCMC における 1 サンプルを所得する時間の評価を行った．

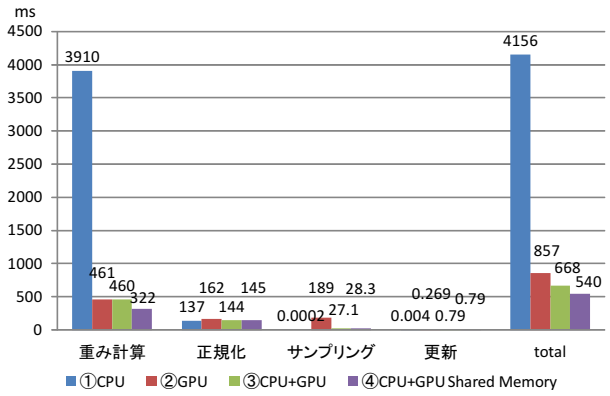

図 3: 1 サンプルを所得する時間

5.1 環境

実験には，PDM の点の数 500，事後分布のパーティクルの数：約 2000 万のデータを使用し，CPU が Intel Core i7 980X，GPU が NVIDIA Geforce GTX480 を搭載している計算機を使用した．①：CPU のみで計算，②：GPU のみで計算，③：重み計算のみ GPU，残りは CPU，④：③の重みの計算に Shared Memory を活用，以上の 4 種類を比較した．

5.2 CPU と GPU の比較

	重み計算	正規化	サンプリング	更新	total	比
①	3910	137	0.00	0.00	4156	1.00
②	461	162	189	0.27	857	4.74
③	460	144	27.1	0.79	668	6.22
④	322	145	28.3	0.79	540	7.69

分布ごとにシリアルにする必要があるサンプリングでは，CPU の方が高速に計算することができた．メモリへのアクセス，計算量の多い重みの計算では，並列処理ができる GPU の方が高速にでき，CPU 比 12.1 倍で処理することができた．Shared Memory を活用することで，ボトルネックである Global Memory へのアクセスが減少したため高速に処理できた．

6 おわりに

本稿では，臓器統計モデルの医用画像への位置合わせの GPU を用いた高速化について述べた．分布においてパーティクルにスレッドを割り当てることで高速化を実現できることを確認した．

参考文献

[1] Michael I. Jordan: “Graphical Models”, Statistical Science 2004, Vol. 19, No. 1, pp. 140–155

[2] 澤田好秀, 渡辺航, 本谷秀堅: “MCMC と確率伝搬法による臓器レジストレーションの性能比較”, 電子情報通信学会技術研究報告. MI, 医用画像 110(364), pp. 51–56, 2011-01-12